

EXHIBIT C

Search for

ExPASy Proteomics Server

[Databases](#) [Tools](#) [Services](#) [Mirrors](#) [About](#) [Contact](#)You are here: [ExPASy CH](#) > [Tools](#) > [Primary structure analysis](#) > [Compute pI/Mw](#)

Compute pI/Mw

Theoretical pI/Mw (average) for the user-entered sequence:

10 20 30 40 50 60
YFPPPAKED FLGCLVKEIP PRLLYAKSSP AYPSVLGQTI RNSRWSSPDN VKPIYIVTPT

70 80 90 100 110 120
NASHIQSAVV CGRRHGVRI RSRGGHDYEG LSYRSLQPEE FAVVDLSKMR AVWVDGKART

130 140 150 160 170 180
AWVDSGAQLG ELYYAIHKAS TVLAFPAQVC PTIGVGGNEA GGGFGMLLRK YGIAAENVID

190 200 210 220 230 240
VKLVDANGTL HDKKSMDGDH FWAVRGGGGE SFGIVVAWKV RLLPVPTPTV VFKIPKKASE

250 260 270 280 290 300
GAVDIINRWQ VVAPQLPDDL MIRVIAQGPT ATFEAMYLGT CQTLTPMMSS KFPPELGMNAS

310 320 330 340 350 360
HCNEMSWIQS IPFVHLGHRD NIEDDLLNRN NTFKPPAEYK SDYVYEPFPP RVWEQIFSTW

370 380 390 400 410 420
LLKPGAGIMI FDPYGATISA TPEWATPPPH RKGVLNFIQY VNYWFAPGAG AAPLSWSKEI

430 440 450 460 470 480
YNYMEPYVSK NPRQAYANYR DIDLGRNEVV NDVSTFSSGL VWGQKYFKGN FQRLAITKGK

490 500
VDPTDYFRNE QSIPPLIKKY

Theoretical pI/Mw: 9.05 / 55765.91

[Swiss Institute of Bioinformatics](#) | [Disclaimer](#) | [Sitemap](#) | [Documentation](#) | [Contact Us](#)SEQ ID NO: 2

Search for

ExPASy Proteomics Server

[Databases](#) [Tools](#) [Services](#) [Mirrors](#) [About](#) [Contact](#)You are here: [ExPASy CH](#) > [Tools](#) > [Primary structure analysis](#) > [Compute pI/Mw](#)

Compute pI/Mw

Theoretical pI/Mw (average) for the user-entered sequence:

10 20 30 40 50 60
YFPPPAAKED FLGCLVKEIF PRLLYAKSSP AYPSVLGQTI RNSRWSSPDN VKPIYIVTPT

70 80 90 100 110 120
NASHIQSAVV CGRRHGVRIK VRSGGHDYEG LSYRSLQPEE FAVVDLSKMR AVWVDGKART

130 140 150 160 170 180
AWVDSGAQLG ELYYAIHKAS PVLAFFPAGVC PTIGVGGNFA GGGFGMLLRK YGIAAENVID

190 200 210 220 230 240
VKLVDANGTL HDKKSMDGDH FWAVRGGGGE SFGIVVAVKV RLLPVPPTVT VFKIPKKASE

250 260 270 280 290 300
GAVDIINRWQ VVAPQLPDDL MIRVIAQGPT ATFEAMYLGT CQTLTPMMSS KFPPELGMNAS

310 320 330 340 350 360
HCNEMSWIQS IPFVHLGHRD NIEDDLLNRN NTEKPFAYEK SDYVYEPFVK EVWEQIFSTW

370 380 390 400 410 420
LLKPGAGIMI FDPYGATISA TPEWATPFPK RKGVLFIQY VNYWEAPGAG AAPLSWSKEI

430 440 450 460 470 480
YNYMEPYVSK NPRQAYANYR DIDLGRNEV NDVSTFSSGL VWGQKYFKGN FORLAITKGG

490 500
VDPTDYFRNE QSIPPLIKKY

Theoretical pI/Mw: 8.89 / 55734.85

SEQ ID NO: 4[Swiss Institute of Bioinformatics](#) | [Disclaimer](#) | [Sitemap](#) | [Documentation](#) | [Contact Us](#)

Search for

ExPASy Proteomics Server

[Databases](#) [Tools](#) [Services](#) [Mirrors](#) [About](#) [Contact](#)You are here: [ExPASy CH](#) > [Tools](#) > [Primary structure analysis](#) > [Compute pI/Mw](#)

Compute pI/Mw

Theoretical pI/Mw (average) for the user-entered sequence:

10	20	30	40	50	60
YFPPPAKED	FLGCLVKEIP	PRLLYAKSSP	AYPSVLGQTI	RNSRWSSPDN	VKPLYIITPT
70	80	90	100	110	120
NVSHIQSAVV	CGRRHVSRIK	VRSGGHDIYEG	LSYRSLQPET	FAVVDLNKMR	AVWVDGKART
130	140	150	160	170	180
AWVDSGAQLG	ELYYAIYKAS	PTLAFPAGVC	PTIGVGGNFA	GGGFGMLLRK	YGIAAENVID
190	200	210	220	230	240
VKLVDANGKL	HDKKSMGDDH	FWAVRGGGGE	SFGIVVAWQV	KLLPVPTPTV	IFKISKTIVSE
250	260	270	280	290	300
GAVDIINKWQ	VVAPQLPADL	MIRIIAQGPK	ATFEAMYLGT	CKTLTPIMSS	KFPELGMNPS
310	320	330	340	350	360
HCNEMSWIQS	IPFVHLGHRD	ALEDDLLNRN	NSFKPFAEYK	SDYVYQFPFK	TVWEQILNTW
370	380	390	400	410	420
LVKPGAGIMI	FDPYGATISA	TPESATPFPH	RKGVLFNIQY	VNYWFAPGAA	AAPLSWSKDI
430	440	450	460	470	480
YNYMEPYVSK	NFRQAYANYR	DIDLGRNEVV	NDVSTYASGK	VWGQKYFKGN	FERLAITKGG
490	500				
VDPTDYFRNE	QSIPELIKKY				

Theoretical pI/Mw: 9.19 / 55624.88

SEQ ID NO: 6[Swiss Institute of Bioinformatics](#) | [Disclaimer](#) | [Sitemap](#) | [Documentation](#) | [Contact Us](#)